

# Estudio de la diversidad y función de comunidades microbianas marinas

ELENA HERNÁNDEZ DEL AMO, NÚRIA VIGUÉS, ONA DEULOFEU-CAPO, JORDI MAS Y OLGA SÁNCHEZ

Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), 08193 Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), Spain.

✉ [olga.sanchez@uab.es](mailto:olga.sanchez@uab.es)



Miembros del grupo de investigación. De izquierda a derecha: Mireia Núñez (técnica de laboratorio), Néstor Pérez (estudiante de máster), Sofía Calatayud (estudiante de grado), Dra. Núria Vigués (profesora lectora), Dr. Jordi Mas (IP), Dra. Olga Sánchez (IP), Ona Deulofeu (investigadora predoctoral), Dra. Elena Hernández del Amo (profesora lectora) y Pablo Rodríguez (investigador predoctoral colaborador).

Nuestra unidad de investigación está constituida por dos investigadores principales, la Dra. Olga Sánchez y el Dr. Jordi Mas, dos profesoras lectoras (ayudantes doctoras), las Dras. Elena Hernández del Amo y Núria Vigués, así como una investigadora predoctoral, Ona Deulofeu Capo, que han aunado sus conocimientos y experiencia para llevar a cabo dos líneas de investigación especializadas en el aislamiento y el estudio de la estructura y función de comunidades microbianas marinas. Además, forman parte del grupo dos técnicas de laboratorio, Mireia Núñez y Cristina Sosa, así como distintos alumnos de grado y de máster realizando prácticas de investigación. Nuestra primera línea de investigación está actualmente

centrada en el estudio de la fisiología de un consorcio bacteriano marino aislado capaz de biorremediar el mercurio, mientras que en una segunda línea se realizan estudios sobre la colonización microbiana y la degradación de materia orgánica en partículas marinas.

Hoy en día, el estudio de la diversidad microbiana constituye una de las líneas de investigación más relevantes en el área de la Ecología Microbiana, la Oceanografía y la Biotecnología. El conocimiento de la diversidad microbiana es clave no sólo por su papel en la comprensión de la estructura, la función y la evolución de las poblaciones bacterianas en los ecosistemas

marinos, sino también como una fuente importante de investigación médica y biotecnológica. En este contexto, el desarrollo de métodos moleculares y genómicos ha sido crucial para proporcionar una visión más realista de la gran diversidad existente en cualquier ecosistema. Por otra parte, el aislamiento de microorganismos sigue siendo fundamental para obtener información sobre su fisiología y para probar hipótesis sobre su ecología y función, que no se puede conseguir únicamente mediante técnicas de secuenciación. Por ello, nuestras líneas de investigación combinan tanto la utilización de técnicas moleculares y genómicas como de cultivo clásicas para el estudio de los microorganismos marinos.

## Biorremediación de mercurio

Las actividades antropogénicas son una de las principales causas de contaminación de los sedimentos marinos, siendo éstos importantes reservorios de las formas más tóxicas de mercurio. Algunos microorganismos presentes en estos sedimentos son capaces de transformar este contaminante a formas menos tóxicas, gracias al operón *mer*. En el contexto del proyecto europeo MERCLUB, en el cual participaron 7 grupos distintos, se aisló un consorcio microbiano de un sedimento marino contaminado por mercurio, constituido principalmente por tres especies bacterianas (*Marinobacter* sp., *Roseibium* sp. y *Thalassospira* sp.). Mediante PCR se comprobó que dos de estas especies eran portadoras del gen *merA* (*Marinobacter* y *Roseibium*) y a partir de cultivos en *batch* se determinaron las tasas de crecimiento y de detoxificación de mercurio del consorcio. Además, se evaluó la tasa de crecimiento óptima en cultivo continuo para lograr una eliminación más eficiente. Para ello, se utilizaron biorreactores (Fig. 1) con tres tasas de dilución distintas (0.2, 0.1 y 0.05 h<sup>-1</sup>) hasta que los cultivos alcanzaron estado estacionario. Posteriormente, se añadió mercurio en los cultivos y se comprobó la capacidad de detoxificación en cada caso. Nuestros resultados evidenciaron que el consorcio bacteriano era capaz de eliminar entre el 75 y el 86% del mercurio total, mientras que la tasa específica de detoxificación de mercurio se mantenía constante independientemente de la tasa de crecimiento. Mediante secuenciación masiva del gen 16S rRNA por Illumina Miseq se determinó que, para las tasas de dilución analizadas, la especie dominante en estado estacionario fue la que no contenía el operón *mer* (*Thalassospira* sp.). Sin embargo, después de la aplicación de mercurio al cultivo, *Roseibium* sp. se vio favorecida y aumentó sustancialmente su abundancia relativa en todos los casos. Por otra parte, se aislaron por separado cada uno de los miembros del consorcio para evaluar su eliminación de mercurio y nuestros resultados preliminares mostraron que independientemente de la tasa de crecimiento aplicada, el consorcio presentaba tasas específicas de detoxificación superiores a los aislados. Los resultados obtenidos destacan pues la capacidad inherente de algunas bacterias de sedimentos para detoxificar el mercurio y señalan el potencial de los consorcios microbianos para biorremediación.

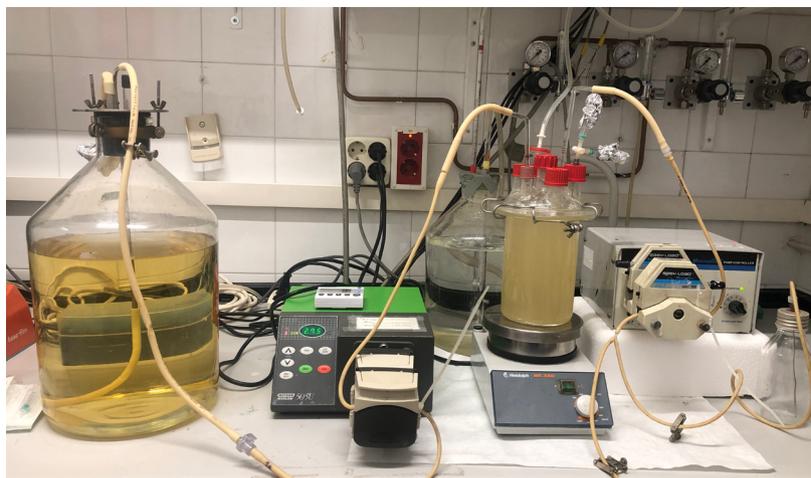


Figura 1. Imagen del montaje del biorreactor que muestra la botella con el medio de cultivo, la bomba peristáltica de entrada de medio, el recipiente de cultivo con el consorcio de microorganismos creciendo en su interior y la bomba peristáltica de salida. Se burbujeó aire dentro del recipiente de cultivo para asegurar condiciones aerobias y se agitó continuamente mediante un agitador magnético.

## Colonización microbiana de partículas marinas

Las partículas oceánicas son cruciales como mediadoras de la bomba biológica de carbono, que es un mecanismo relevante por el cual el océano regula las concentraciones atmosféricas de CO<sub>2</sub>. Estas partículas son degradadas por comunidades microbianas mientras se encuentran en tránsito hacia las profundidades oceánicas. En el marco del proyecto MICOLOR y en colaboración con el Dr. Josep M. Gasol del Instituto de Ciencias del Mar (ICM-CSIC) y la Dra. Laura Alonso-Sáez de AZTI, nuestro grupo en particular pretende entender cómo las partículas marinas son colonizadas por microorganismos estudiando los mecanismos de unión a partículas modelo de laboratorio embebidas en diferentes tipos de materia orgánica, así como determinar los perfiles temporales de colonización tanto en partículas naturales como artificiales mediante técnicas de secuenciación masiva y de observación microscópica. Otro de los objetivos importantes del proyecto es el aislamiento y el análisis de genomas de los microorganismos colonizadores de partículas a distintas profundidades y en diferentes condiciones ambientales como herramientas fundamentales para entender la diversidad microbiana de las biopelículas e inferir funciones y roles ecológicos, como por ejemplo explorar por qué algunos microorganismos colonizan las partículas y si esto tiene que ver con sus capacidades genómicas.

## Bibliografía

- Pereira-García C, del Amo EH, Vigués N, Rey-Velasco X, Rincón-Tomás B, Pérez-Cruz C, Sanz-Sáez I, Hu H, Bertilsson S, Pannier A, Soltmann U, Sánchez P, Acinas SG, Bravo AG, Alonso-Sáez L, Sánchez O. (2024). Unmasking the physiology of mercury detoxifying bacteria from polluted sediments. *J. Hazard. Mat.* 467:133695.
- Punset Gálvez, R. (2024). Obtención de micropartículas de alginato mediante emulsión en fase inversa y análisis de su interacción con *Escherichia coli* y *Pseudomonas* sp. Trabajo de Máster, Universitat Autònoma de Barcelona.
- Rey-Velasco X, Lucena T, Belda A, Gasol JM, Sánchez O, Arahall DR, Pujalte MJ. (2024) Genomic and phenotypic characterization of 26 novel marine bacterial strains with relevant biogeochemical roles and widespread presence across the global ocean. *Front. Microbiol.* 15:1407904.
- Triolle, M. (2024) Microbial ecology of marine particle-attached microorganisms. Master thesis, Universitat Autònoma de Barcelona/Institut Polytechnique de Bordeaux.